

Research Paper

Analysis of Variance Components and Generation Means in the Cross of Ehsan and Kavir Wheat Cultivars under Normal and Salinity Stress Conditions

Saeed Bagherikia¹, Manoochehr Khodarahmi² and Habiballah Soughi³

1- Assistant Professor, Horticulture Crops Research Department, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Gorgan, Iran,
(Corresponding author: s.bagherikia@areeo.ac.ir)

2- Associate Professor, Seed and Plant Improvement Institute, AREEO, Karaj, Iran

3- Associate Professor, Horticulture Crops Research Department, Golestan Agricultural and Natural Resources Research and Education Center, AREEO, Gorgan, Iran

Received: 11 May, 2025

Revised: 02 September, 2025

Accepted: 12 October, 2025

Extended Abstract

Background: Wheat (*Triticum aestivum* L.) is one of the most important crops in the world, playing a key role in human nutrition and global food security. The function of genes and the heritability of traits can change due to environmental changes, which is related to the complex interaction between the genotype and the environment. Analyzing means and variances across generations is essential in genetic and breeding studies as it helps plant breeders to evaluate the genetic responses of crops under different environmental conditions, such as normal, saline, and drought stress. By performing generational mean analysis, researchers can estimate the additive and dominance effects and their interactions. This information is crucial for selecting optimal parents to use in crosses, aiming to enhance heterosis and improve breeding efficiency. This study aims to investigate and analyze the genetic parameters that influence key agronomic traits through the analysis of means and variances across generations derived from the crosses between Ehsan and Kavir cultivars, specifically under normal and saline stress conditions during the reproductive stage.

Methods: The parental lines and various generations from the Ehsan × Kavir cross were studied to evaluate the genetic control of key agronomic traits in bread wheat. In this study, the Ehsan cultivar as the maternal line and the Kavir cultivar as the paternal line played a role in producing the F1 generation. The experiment was set up as a split-plot arrangement within a randomized complete block design (RCBD), with three replications at the Gorgan Agricultural Research Station, during the 2022-2023 growing season. Two distinct irrigation conditions were applied: full irrigation and saline stress. Saline stress (10 dS m⁻¹) was introduced at two key growth stages: full spike emergence (Zadoks code 73) and early milk development (Zadoks code 60). Trait measurements were taken on 10 plants from the parent lines and the F1 generation, 30 plants for the F2 generation, and 15 plants from the backcross generations. After maturity, various agronomic traits, such as plant height, spike length, peduncle length, number of spikes per plant, number of spikelets per spike, number of grains per spike, thousand-kernel weight, and grain yield per plant, were assessed across all individuals. SAS9.4 software was used to perform the analysis of variance, compare means, and estimate genetic effects. Heritability and heterosis were calculated using Excel software.

Results: Variance analysis revealed that both the effects of stress and the stress × generation interaction had a significant impact on traits such as thousand-kernel weight and grain yield per plant. As a result, genetic analyses were performed separately for these traits under normal and saline stress conditions. The generation mean analysis revealed that the genetic models influencing thousand-kernel weight and grain yield differed under normal and saline stress conditions. For other traits, where stress effects and stress × generation interactions were not significant, the data were combined and analyzed together, making the results applicable to both environmental scenarios. Differences among generations were statistically significant for all studied traits. The chi-square test indicated that peduncle length, plant height, and spike length showed no significant differences. On the other hand, the chi-square test revealed significant differences for the other traits, highlighting the inadequacy of the simple additive-dominance model and suggesting the involvement of epistatic effects, genetic linkage, and maternal



influences in controlling these traits. The generation means analysis demonstrated that non-additive genetic effects played a more crucial role than additive effects in controlling the majority of traits, including spike length, the number of grains per spike, the number of spikelets per spike, the number of spikes per plant, thousand-kernel weight, and grain yield per plant, under both normal and saline stress conditions. Epistatic effects were particularly significant for most traits, and these traits exhibited low narrow-sense heritability. The variance analysis of generations revealed that traits, such as spike length, the number of grains per spike, the number of spikelets per spike, the number of spikes per plant, and grain yield per plant, were predominantly influenced by overdominance. In contrast, for plant height and peduncle length, additive genetic effects were more influential than non-additive effects, and no epistatic effects were detected. Moreover, relatively high narrow-sense heritability was observed for plant height and peduncle length.

Conclusion: The results of this study showed that the genetic models effective on thousand-kernel weight and grain yield were different under normal and saline stress conditions. Additionally, under both environmental conditions, genetic improvement can be effectively achieved in plant height and peduncle length during the initial generations. However, for the other traits, including grain yield and its components, selection should be delayed until more advanced generations to achieve more reliable gains. The offspring of the cross between Ehsan and Kavir cultivars are being selected and tracked in the bread wheat breeding program in the northern warm and humid agro-climatic zone (Iran) to integrate desirable alleles.

Keywords: Gene Action, Heritability, Heterosis, Non-allelic Interactions, Selection

How to Cite This Article: Bagherikia, S., Khodarahmi, M., & Soughi, H. (2026). Analysis of Variance Components and Generation Means in the Cross of Ehsan and Kavir Wheat Cultivars under Normal and Salinity Stress Conditions. *J Crop Breed*, 18(1), 80-92. DOI: 10.61882/jcb.2026.1595



مقاله پژوهشی

تجزیه واریانس و میانگین نسل‌های حاصل از تلاقی ارقام گندم احسان و کویر تحت شرایط نرمال و تنش شوری

سعید باقری کیا^۱، منوچهر خدارحمی^۲ و حبیب اله سوقی^۳^۱- استادیار، بخش تحقیقات زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران، (نویسنده مسئول: s.bagherikia@areeo.ac.ir)^۲- دانشیار، موسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، کرج، ایران^۳- دانشیار، بخش تحقیقات زراعی و باغی، مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی گلستان، سازمان تحقیقات، آموزش و ترویج کشاورزی، گرگان، ایران

تاریخ پذیرش: ۱۴۰۴/۰۷/۲۰

تاریخ ویرایش: ۱۴۰۴/۰۶/۱۱
صفحه: ۸۰ تا ۹۲

تاریخ دریافت: ۱۴۰۴/۰۲/۲۱

چکیده مبسوط

مقدمه و هدف: گندم (*Triticum aestivum* L.) یکی از مهمترین محصولات زراعی در جهان است که نقشی کلیدی در تغذیه انسان و امنیت غذایی جهانی دارد. نحوه عملکرد ژن‌ها و وراثت‌پذیری صفات بر اثر تغییرات محیطی می‌تواند تغییر کند که به اثر متقابل پیچیده بین ژنوتیپ و محیط مربوط می‌شود. تجزیه میانگین‌ها و واریانس‌ها نسل‌ها یک ابزار مهم در مطالعات ژنتیکی و به‌نژادی گیاهی است. این تجزیه‌ها به به‌نژادگران امکان می‌دهد تا واکنش‌های ژنتیکی گیاهان را در شرایط مختلف، از جمله شرایط نرمال، شوری و خشکی بررسی و ارزیابی کنند. با انجام تجزیه میانگین نسل‌ها، می‌توان برآوردهایی از اثرات افزایشی و غالب و اثرات متقابل آن‌ها به‌دست آورد. این اطلاعات برای انتخاب والدین بهینه جهت انجام تلاقی‌هایی با هدف دستیابی به هتروزیس بالاتر و در نتیجه افزایش کارایی به‌نژادی ضروری است. هدف از این تحقیق، تحلیل و بررسی پارامترهای ژنتیکی مؤثر در کنترل صفات مهم زراعی از طریق تجزیه میانگین و واریانس نسل‌های به‌دست آمده از تلاقی ارقام گندم نان احسان و کویر در شرایط عادی و تنش شوری در مرحله زایشی بود.

مواد و روش‌ها: برای ارزیابی کنترل ژنتیکی صفات زراعی کلیدی در گندم نان، لاین‌های والدی و نسل‌های مختلف حاصل از تلاقی احسان × کویر مورد مطالعه قرار گرفتند. در این مطالعه، رقم احسان به‌عنوان پایه مادری و رقم کویر به‌عنوان پایه پدری در تولید نسل F1 مورد استفاده قرار گرفت. آزمایش به‌صورت کرت‌های خرد شده در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی (RCBD) با سه تکرار در ایستگاه تحقیقات کشاورزی گرگان در طی سال زراعی ۱۴۰۱-۱۴۰۲ اجرا شد. دو شرایط متفاوت برای آبیاری اجرا شد که شامل شرایط نرمال (آبیاری با آب معمولی) و شرایط تنش شوری (آبیاری با آب شور) بود. تنش شوری (۱۰ دسی‌زیمنس بر متر) در دو مرحله رشد کلیدی گیاه، شامل مراحل ظهور کامل سنبله (زادوکس ۶۰) و اوایل مرحله شیریه دانه (زادوکس ۷۳) اعمال شد. اندازه‌گیری صفات در لاین‌های والدینی و نسل F1 بر روی ۱۰ بوته، در نسل F2 بر روی ۳۰ بوته و در نسل‌های حاصل از بک‌کراس بر روی ۱۵ بوته انجام شد. پس از رسیدگی، صفات مختلفی همچون ارتفاع بوته، طول سنبله، طول پدانکل، تعداد سنبله در بوته، تعداد سنبله‌چه در سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه و عملکرد دانه (در واحد بوته) در تمام بوته‌ها مورد ارزیابی قرار گرفتند. برای انجام تجزیه واریانس، مقایسه میانگین نسل‌ها و برآورد اثرات ژنتیکی، از نرم‌افزار SAS9.4 استفاده گردید. همچنین، محاسبه وراثت‌پذیری و هتروزیس با استفاده از نرم‌افزار Excel انجام شد.

یافته‌ها: نتایج تجزیه واریانس نشان دادند که اثرات تنش و اثر متقابل تنش با نسل برای صفات وزن هزار دانه و عملکرد دانه معنی‌دار بودند. بنابر این، تجزیه ژنتیکی این صفات به‌طور جداگانه در شرایط نرمال و تنش شوری انجام شد. تجزیه میانگین نسل‌ها نشان داد که مدل‌های ژنتیکی مؤثر بر صفات وزن هزار دانه و عملکرد دانه در شرایط نرمال و تنش شوری متفاوت بودند. برای سایر صفات، با توجه به عدم معنی‌دار بودن اثرات تنش و اثر متقابل تنش با نسل، داده‌ها از هر دو شرایط به‌صورت ترکیبی تحلیل شدند که قابل تعمیم به هر دو شرایط محیطی باشد. تفاوت بین نسل‌ها برای تمامی صفاتی که مورد مطالعه قرار گرفتند، از نظر آماری معنی‌دار بود. آزمون کای اسکور نشان داد که طول پدانکل، ارتفاع گیاه و طول سنبله از نظر آماری معنی‌دار نبودند ولی برای سایر صفات معنی‌دار بود که نشان‌دهنده ناکارآمدی مدل ساده افزایشی-غالب است و احتمالاً اثرات اپیستازی، پیوستگی ژنتیکی و اثرات مادری در این صفات دخیل هستند. تجزیه میانگین‌های نسل‌ها نشان داد که اثرات ژنتیکی غیر افزایشی نقش بیشتری نسبت به اثرات افزایشی در کنترل اکثر صفات مورد مطالعه شامل طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبله‌چه در سنبله، تعداد سنبله در بوته، وزن هزار دانه و عملکرد دانه در گیاه در هر دو شرایط نرمال و تنش شوری دارند. علاوه بر این، اثرات اپیستازی برای اکثر صفات قابل مشاهده بود و این صفات دارای وراثت‌پذیری خصوصی پایینی بودند. تجزیه اجزای واریانس نشان داد که صفاتی مانند طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبله‌چه در سنبله، تعداد سنبله‌ها در بوته و عملکرد دانه عمدتاً تحت کنترل فوق غالبیت ژن‌ها هستند. در مقابل، برای ارتفاع بوته و طول پدانکل، اثرات ژنتیکی افزایشی بیشتر از اثرات غیر افزایشی بودند و اثرات اپیستازی مشاهده نشد. از سوی دیگر، وراثت‌پذیری خصوصی نسبتاً بالایی برای ارتفاع بوته و طول پدانکل مشاهده شد.

نتیجه‌گیری: نتایج این پژوهش نشان دادند که مدل‌های ژنتیکی مؤثر بر صفات وزن هزار دانه و عملکرد دانه در شرایط نرمال و تنش شوری متفاوت بودند. همچنین در هر دو شرایط محیطی، بهبود ژنتیکی می‌تواند به‌طور مؤثر در ارتفاع بوته و طول پدانکل در نسل‌های اولیه صورت گیرد. اما برای سایر صفات، از جمله عملکرد دانه و اجزای آن، انتخاب باید به تأخیر افتد تا در نسل‌های پیشرفته‌تر، به دستاوردهای مطمئن‌تری دست یافت. نتایج حاصل از تلاقی ارقام احسان و کویر در برنامه به‌نژادی گندم نان در اقلیم گرم مرطوب شمال کشور به‌منظور تجمع و تثبیت آلل‌های مطلوب در حال گزینش و ردیابی هستند.

واژه‌های کلیدی: اثرات متقابل غیرآلی، گزینش، عمل ژن، وراثت‌پذیری، هتروزیس

مقدمه

تولید محصولات متنوعی همچون نان، بیسکویت، ماکارونی و کیک به‌طور گسترده استفاده می‌شود (Igrejas & Branlard, 2020). اهمیت گندم تنها به جنبه تغذیه‌ای محدود نمی‌شود، بلکه از لحاظ اقتصادی نیز این محصول به‌عنوان منبع اصلی درآمد برای کشاورزان در بسیاری از کشورها شناخته می‌شود. جایگاه ویژه گندم در تجارت جهانی مواد غذایی و تأثیر مستقیم

گندم (*Triticum aestivum* L.) یکی از اساسی‌ترین محصولات زراعی در جهان است که نقشی کلیدی در تغذیه انسان و امنیت غذایی جهانی دارد. این محصول به‌عنوان منبع اصلی کربوهیدرات‌ها و پروتئین، زندگی میلیاردها نفر را در سراسر جهان تحت تأثیر قرار می‌دهد. همچنین، گندم برای

(Taheri et al., 2022) با بهره‌گیری از تجزیه میانگین نسل‌ها برای تلاقی گندم دوروم (شتر دندان × دنا) تحت شرایط عادی و خشکی انتهای فصل نشان دادند که مدل افزایشی-غالبیت برای اغلب صفات کافی نبود و اثرات اپیستاتیک احتمالاً نقش اساسی در کنترل این صفات داشتند. علاوه بر این، اثرات ژنی غیر افزایشی سهم برجسته‌تری را در کنترل بیشتر صفات ایفا کردند.

اطلاعات مربوط به ساختار ژنتیکی جمعیت و والدین، به‌همراه نحوه عملکرد ژن‌ها در شرایط آبیاری نرمال و تنش‌های محیطی، می‌تواند به‌طور چشمگیری احتمال موفقیت در برنامه‌های اصلاحی را تحت شرایط تنش افزایش دهد (Badieh et al., 2012; Kamara et al., 2020). هدف از این تحقیق، تحلیل و بررسی پارامترهای ژنتیکی مؤثر بر کنترل صفات مهم زراعی از طریق تجزیه میانگین و واریانس نسل‌های به‌دست آمده از تلاقی ارقام گندم نان احسان و کویر در شرایط عادی و تنش شوری در مرحله زایشی بود.

مواد و روش‌ها

این تحقیق در سه سال زراعی ۱۴۰۲-۱۳۹۹ در ایستگاه تحقیقات کشاورزی گرگان انجام شد. این ایستگاه تحقیقاتی در فاصله ۵ کیلومتری از شمال گرگان و در مختصات جغرافیایی ۳۶ درجه و ۵۴ دقیقه شمالی و ۵۴ درجه و ۲۵ دقیقه شرقی قرار دارد. براساس آمار بلندمدت ایستگاه هواشناسی، میانگین سالانه دمای هوا در این منطقه ۱۸/۱ درجه سلسیوس، درصد رطوبت نسبی ۷۲/۴ درصد و مجموع بارندگی سالانه ۴۸۴/۷ میلی‌متر ثبت شده است.

در سال اول (۱۴۰۰-۱۳۹۹)، بذور نسل اول (F1) از تلاقی رقم احسان (به‌عنوان پایه مادری) و رقم کویر (به‌عنوان پایه پدری) تولید شدند. احسان یک رقم حساس به شوری است و کویر به‌عنوان یک رقم مقاوم به تنش شوری شناخته می‌شود (SPII, 2025). در سال دوم (۱۴۰۱-۱۴۰۰)، بذور F1 حاصل از این تلاقی به‌همراه والدین کشت شدند. پیش از رسیدن به مرحله گرده‌افشانی، بذور F1 به‌عنوان والد مادری و والدین به‌عنوان پایه پدری در تلاقی‌های بعدی مورد استفاده قرار گرفتند که منجر به تولید نسل‌های BC1.1 و BC1.2 شد. علاوه بر این، نسل F2 از خودگشتی نسل F1 در همین سال به‌دست آمد. در سال سوم آزمایش (۱۴۰۱-۱۴۰۲)، شش نسل شامل BC1.1، BC1.2، F2 و دو والد، در شرایط نرمال و تنش شوری در قالب آزمایش اسپلیت پلات با طراحی بلوک‌های کامل تصادفی و سه تکرار ارزیابی شدند. ژنوتیپ‌ها در هر تکرار، روی پشته‌های ۲ متری با فاصله ۶۰ سانتیمتر از یکدیگر و بوته‌ها بر روی خطوط با فاصله پنج سانتیمتر کاشته شدند. بذور والدین و F1 روی دو خط کاشته شدند، در حالی که تلاقی‌های برگشتی در سه خط و نسل F2 در ده خط کشت شدند.

برای اعمال تنش شوری، آب شور از زهکش‌های ایستگاه تحقیقات شوری استان گلستان در تانکرهای مخصوص ذخیره گردید. با توجه به غلظت بالای شوری، آب جمع‌آوری شده با آب شیرین رقیق و شوری آن روی ۱۰ دسی زیمنس بر متر تنظیم شد و برای اعمال تنش شوری در مراحل ظهور کامل

قیمت آن بر اقتصاد کشورهای واردکننده و صادرکننده، اهمیت آن را دوچندان کرده است (Erenstein et al., 2022).

در زمین‌های کشاورزی مناطق خشک و نیمه‌خشک که منابع آبی محدود هستند، گسترش شوری یکی از بزرگ‌ترین تهدیدها برای پایداری کشاورزی و امنیت غذایی به‌شمار می‌رود. شوری آب و خاک باعث کاهش تولید محصولات کلیدی نظیر گندم می‌شود و در نتیجه معیشت کشاورزان را نیز تحت تأثیر قرار می‌دهد. این مسئله می‌تواند به فقر و بی‌ثباتی اقتصادی و اجتماعی منجر شود (Hussain et al., 2019). کاهش رشد گیاه، اختلالات تغذیه‌ای و تخریب سلولی از پیامدهای تنش شوری هستند که در نهایت باعث کاهش زیست‌توده، وزن دانه و عملکرد نهایی می‌شوند (Sabagh et al., 2021; Talebi Qormik et al., 2024).

اصلاح ژنتیکی گندم برای بهبود مقاومت آن به شرایط تنش‌زا مانند خشکی و شوری، با توجه به اهمیت این محصول در تأمین امنیت غذایی، ضرورتی اجتناب‌ناپذیر است. پژوهش‌های مرتبط با به‌نژادی گندم می‌توانند ارقامی مقاوم‌تر و با عملکرد بالاتر ارائه دهند که هم تولید گندم را افزایش می‌دهند و هم پایداری آن را در شرایط محیطی سخت تضمین می‌کنند (Mourad et al., 2019). تغییرات محیطی می‌توانند نحوه عملکرد ژن‌ها و وراثت‌پذیری صفات را تغییر دهند که به اثر متقابل پیچیده بین ژنوتیپ و محیط مربوط می‌شود (Sharma et al., 2004)، به طوری که احتمال وجود اثر متقابل بین QTL‌ها و محیط در گندم گزارش شده است (Khabiri et al., 2023).

تجزیه میانگین و واریانس نسل‌ها نقش مهمی در پژوهش‌های ژنتیکی و به‌نژادی ایفا می‌کنند و به متخصصان امکان می‌دهند تا ویژگی‌های ژنتیکی گیاهان را در شرایط مختلف، نظیر محیط‌های عادی، شور یا خشک، با دقت مورد ارزیابی قرار دهند. این روش‌ها با ارائه تخمین‌هایی از اثرات اصلی ژنتیکی مانند افزایشی و غالبیت، و همچنین بررسی اثرات متقابل میان آن‌ها، فرآیند انتخاب والدین مناسب برای تلاقی‌های هدفمند با بیشترین پتانسیل هتروزیس را تسهیل می‌کنند (Kearsey & Pooni, 1996).

علی و همکاران (Ali et al., 2014) در پژوهشی با استفاده از تلاقی بین دو رقم حساس و مقاوم به شوری، نحوه عملکرد ژن‌ها در وراثت عملکرد دانه و اجزای آن را بررسی کردند. نتایج نشان دادند که اثرات افزایشی و تعاملات اپیستازی، از جمله افزایشی × افزایشی و غالبیت × غالبیت، نقش تعیین‌کننده‌ای در تبیین عملکرد دانه تحت تنش شوری با شدت ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر ایفا کردند. به‌طور مشابه، امیری و همکاران (Amiri et al., 2021a) از تجزیه میانگین نسل‌ها در تلاقی میان ارقام گندم مرودشت و MV17 در شرایط بدون تنش و تنش خشکی انتهای فصل برای برآورد پارامترهای ژنتیکی استفاده کردند. آن‌ها دریافتند که علاوه بر اثرات افزایشی و غالبیت، اثرات اپیستازی نیز در وراثت صفات زراعی مهم دخیل بودند، به‌طوری‌که مدل کنترل ژنتیکی صفات در هر دو شرایط محیطی از نظر حضور یا عدم حضور اثرات متقابل غیر آلی تا حد زیادی مشابه بود. در مطالعه دیگری، طاهری و همکاران

1982) محاسبه و میانگین آن‌ها به عنوان وراثت پذیری عمومی در نظر گرفته شد.

$$h^2_{BS1} = (\sigma^2_{F2} - (\sigma^2_{P1} + \sigma^2_{P2})/2) / \sigma^2_{F2} \quad (۶)$$

$$h^2_{BS2} = (\sigma^2_{F2} - \sqrt{(\sigma^2_{P1} \times \sigma^2_{P2})}) / \sigma^2_{F2} \quad (۷)$$

$$h^2_{BS3} = (\sigma^2_{F2} - \sigma^2_{F1}) / \sigma^2_{F2} \quad (۸)$$

$$h^2_{BS4} = (\sigma^2_{F2} - \sqrt{(\sigma^2_{P1} \times \sigma^2_{P2} \times \sigma^2_{F1})}) / \sigma^2_{F2} \quad (۹)$$

$$h^2_{BS5} = (\sigma^2_{F2} - (\sigma^2_{P1} + \sigma^2_{P2} + \sigma^2_{F1})/3) / \sigma^2_{F2} \quad (۱۰)$$

$$h^2_{BS6} = (\sigma^2_{F2} - (\sigma^2_{P1} + \sigma^2_{P2} + 2 \times \sigma^2_{F1})/4) / \sigma^2_{F2} \quad (۱۱)$$

برای محاسبه وراثت پذیری خصوصی نیز از رابطه ۱۲ استفاده شد (Warner, 1952).

$$h^2_{NS} = (2 \sigma^2_{F2} - (\sigma^2_{BC1.1} + \sigma^2_{BC1.2})) / \sigma^2_{F2} \quad (۱۲)$$

هتروزیس نسبت به میانگین والدین (HMP) و هتروزیس نسبت به والد برتر (HFi) بر اساس روابط شماره ۱۳ و ۱۴ تعیین شدند و برای بررسی معنی دار بودن آن‌ها از آزمون *t* استفاده شد.

$$H_{MP} (\%) = \frac{\bar{F}_1 - \bar{MP}}{\bar{MP}} \times 100 \quad (۱۳)$$

$$H_{Fi} (\%) = \frac{\bar{F}_1 - \bar{P}_i}{\bar{P}_i} \times 100 \quad (۱۴)$$

برای انجام تجزیه واریانس وزنی، مقایسه میانگین نسل‌ها و برآورد اثرات ژنتیکی، از نرم افزار SAS9.4 استفاده گردید. ضریب تغییرات با استفاده از خطای دوم (باقیمانده) تجزیه واریانس محاسبه شد. همچنین، محاسبه وراثت پذیری و هتروزیس با استفاده از نرم افزار Excel انجام شد.

نتایج و بحث

نتایج تجزیه واریانس (جدول ۱) نشان دادند که تنش شوری تأثیر معنی داری بر صفات وزن هزار دانه و عملکرد دانه در بوته داشت. در مقابل، صفاتی مانند طول پدانکل، طول سنبله، ارتفاع بوته، تعداد سنبلهچه در سنبله، تعداد دانه در سنبله و تعداد سنبله در بوته تحت تأثیر تنش شوری قرار نگرفتند. این امر ممکن است به دلیل زمان اعمال تنش شوری باشد که از مرحله ظهور کامل سنبله آغاز شد و وضعیت این صفات پیش از اعمال تنش شوری عمدتاً تثبیت شده بود (Molaei *et al.*, 2016; Amiri *et al.*, 2021a). اختلاف بین نسل‌ها در تمامی صفات مورد مطالعه معنی دار بود (جدول ۱)، که این امر امکان انجام تحلیل‌های ژنتیکی با استفاده از روش تجزیه میانگین نسل‌ها را فراهم ساخت. اثر متقابل تنش شوری و نسل تنها برای صفات وزن هزار دانه و عملکرد دانه در بوته معنادار تشخیص داده شد (جدول ۱). با توجه به معنی دار بودن اثر تنش و اثر متقابل آن با نسل در این دو صفت، تحلیل‌های ژنتیکی به صورت جداگانه تحت شرایط نرمال و تنش شوری انجام شدند. برای سایر صفات، به دلیل عدم معنی داری اثر تنش و اثر متقابل آن با نسل، داده‌های دو شرایط محیطی تلفیق شدند و مورد تحلیل قرار گرفتند. بنابر این، نتایج به دست آمده برای هر دو شرایط محیطی قابل تعمیم هستند.

سنبله (زادوکس ۶۰) و اوایل مرحله شیریه دانه (زادوکس ۷۳) مورد استفاده قرار گرفت.

اندازه گیری صفات در والدین و نسل F1 بر روی ۱۰ بوته، در نسل F2 بر روی ۳۰ بوته و در نسل‌های حاصل از یک کراس بر روی ۱۵ بوته انجام شد. پس از رسیدگی، صفات مختلفی همچون ارتفاع بوته، طول سنبله، طول پدانکل، تعداد سنبله در بوته، تعداد سنبلهچه در سنبله، تعداد دانه در سنبله، وزن هزار دانه و عملکرد (در واحد بوته) در تمام بوته‌ها اندازه گیری گردیدند. به دلیل تفاوت در تعداد نمونه‌های مورد بررسی و واریانس میان نسل‌های مختلف، ارزیابی صفات از طریق تجزیه واریانس وزنی بر اساس آزمایش اسپلیت پلات انجام شد. پس از آن، مقایسه میانگین نسل‌های مختلف صورت گرفت و در صورت وجود اختلاف معنی دار بین نسل‌ها برای صفات مورد نظر، تجزیه میانگین نسل‌ها با استفاده از روش متر و جینکز (Mather and Jinks, 1982) انجام شد. پارامترهای ژنتیکی صفات مختلف با به کارگیری روش حداقل مربعات وزنی محاسبه گردید. در این روش، ارتباط بین میانگین هر نسل و پارامترهای ژنتیکی به صورت رابطه ۱ برقرار است.

$$Y = m + \alpha [d] + \beta [h] + \alpha^2 [i] + 2\alpha\beta[j] + \beta^2[l] \quad (۱)$$

در این رابطه، *Y* میانگین یک نسل، *m* میانگین تمام نسل‌ها در یک تلاقی، *d* مجموع اثرات افزایشی، *h* مجموع اثرات غالبیت، *i* مجموع اثرات متقابل افزایشی × افزایشی، *j* مجموع اثرات متقابل افزایشی × غالبیت و *l* مجموع اثرات متقابل غالبیت × غالبیت را نشان می‌دهند. همچنین، α ، β ، α^2 و β^2 هر یک ضرایب پارامترهای ژنتیکی مدل هستند.

برای ارزیابی کفایت مدل، از آزمون کای اسکوتر (مربع کای) استفاده شد. هر صفت در تمامی نسل‌ها با استفاده از برازش مدل‌های ۳، ۴، ۵ و ۶ پارامتری بررسی گردید تا مدل مناسب برای هر صفت در هر تلاقی شناسایی شود. اجزای تنوع نیز با استفاده از روابط زیر محاسبه شدند (Mather & Jinks, 1977).

$$E_w = (\sigma^2_{P1} + \sigma^2_{P2} - 2\sigma^2_{F1})/4 \quad (۲)$$

$$D = 4\sigma^2_{F2} - 2(\sigma^2_{BC1.1} + \sigma^2_{BC1.2}) \quad (۳)$$

$$H = 4(\sigma^2_{BC1.1} + \sigma^2_{BC1.2} - \sigma^2_{F2} - E_w) \quad (۴)$$

$$F = (\sigma^2_{BC1.2} - \sigma^2_{BC1.1}) \quad (۵)$$

در این روابط، *E_w* واریانس محیطی، *D* واریانس افزایشی، *H* واریانس غالبیت و *F* بخش ناشی از همبستگی آثار افزایشی و غالبیت در تمام مکان‌های ژنی را نشان می‌دهند. همچنین، σ^2_{P1} ، σ^2_{P2} ، σ^2_{F1} ، σ^2_{F2} ، $\sigma^2_{BC1.1}$ و $\sigma^2_{BC1.2}$ به ترتیب واریانس والد اول، والد دوم، نسل F1، نسل F2، یک کراس یک و یک کراس دو هستند. درجه غالبیت نیز بر اساس رابطه $\sqrt{H/D}$ و میزان انحراف از غالبیت در مکان‌های ژنی مختلف با استفاده از رابطه $F/\sqrt{H/D}$ برآورد شدند.

وراثت پذیری عمومی بر اساس شش روش (روابط ۶ تا ۱۱) مختلف با استفاده از روش متر و جینکز (Mather & Jinks, 1982)

نگرفت (جدول ۳). با وجود این که در هر دو شرایط اثرات افزایشی و غالبیت معنی‌دار بودند، سهم اثر غالبیت بیشتر از اثر افزایشی بود (جدول ۳).

در مطالعه علی و همکاران (Ali *et al.*, 2014)، تحت شرایط تنش شوری با شوری ۱۰ دسی‌زیمنس بر متر، مدل پنج پارامتری بهترین برازش را نشان داد و مشابه با یافته‌های پژوهش حاضر، مشخص شد که اثر غالبیت بزرگ‌تر از اثر افزایشی است. در هر دو شرایط محیطی، اثر متقابل اپیستازی در صفت وزن هزار دانه از نوع مضاعف بود، چرا که علامت اثر غالبیت و اثر متقابل غالبیت $\times$ غالبیت کاملاً مخالف یکدیگر بودند (جدول ۳). بر اساس نظریه کیرسی و پونی (Kearsey & Pooni, 1996)، زمانی که دو اثر غالبیت و اثر متقابل غالبیت $\times$ غالبیت در مدل وجود داشته باشند، نوع اپیستازی را می‌توان تعیین کرد. هنگامی که این دو پارامتر دارای علامت مشابه باشند، اپیستازی از نوع تکمیلی است و زمانی که علامت این دو مخالف یکدیگر باشد، اپیستازی از نوع مضاعف است (Al-Naggar *et al.*, 2021). به طور کلی، با توجه به نقش اثرات غالبیت و اپیستازی در وراثت این صفت، گزینش دیر هنگام به‌جای انتخاب در نسل‌های اولیه، در هر دو شرایط نرمال و تنش شوری به نظر مناسب‌تر می‌رسد. نتایج مطالعات ژنتیکی در گندم نان نشان می‌دهند که وراثت وزن هزار دانه تحت تأثیر اثرات افزایشی، غالبیت و اپیستازی است (Frozanfar *et al.*, 2009; Sultan *et al.*, 2011; Ali *et al.*, 2014; Taheri *et al.*, 2022).

وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی صفت وزن هزار دانه در شرایط تنش شوری کمتر از شرایط نرمال مشاهده شد (جدول ۴). در گندم، وراثت‌پذیری پایین‌تر صفات در شرایط تنش‌های غیر زنده به دلیل کاهش تنوع ژنتیکی در این محیط‌ها نسبت داده شده است (Golabadi *et al.*, 2005; Mohamed, 2014). کاهش وراثت‌پذیری صفات زراعی در محیط‌های کم‌بازده نسبت به محیط‌های پر بازده توسط پژوهشگران دیگری نیز تأیید شده است (Ceccarelli, 1996; Said, 2014). همچنین، مقادیر هتروزیس نسبت به میانگین والدین و نسبت به والد برتر در هر دو شرایط نرمال و تنش مثبت و معنی‌دار بود اما در شرایط نرمال مقداری بیشتر از شرایط تنش بود (جدول ۴). تجزیه اجزای واریانس نشان داد که در هر دو شرایط محیطی، سهم واریانس غالبیت در صفت وزن هزار دانه بیشتر از واریانس افزایشی بود. در شرایط تنش شوری، درجه غالبیت برابر با ۲/۱۲ بود، در حالی که در شرایط نرمال این مقدار ۱/۲۸ برآورد شد (جدول ۵). این نتایج نشان می‌دهند که در شرایط تنش شوری، واریانس غالبیت نسبت به شرایط نرمال بیشتر است، هر چند که عمل ژن در هر دو محیط از نوع فوق غالبیت بود.

نتایج مقایسه میانگین نسل‌ها (جدول ۲) نشان دادند که والد احسان (P1) از لحاظ ارتفاع بوته، طول پدانکل، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبلچه در سنبله، وزن هزار دانه، و عملکرد دانه (در هر دو شرایط محیطی) نسبت به والد کویر (P2) برتری داشت. در نسل F1، صفاتی نظیر طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، عملکرد دانه تحت شرایط تنش شوری و وزن هزار دانه در هر دو شرایط محیطی به‌طور معنی‌داری بیشتر از هر دو والد بودند (جدول ۲)، که این موضوع بیانگر وقوع هتروزیس نسبت به میانگین والدین و نسبت به والد برتر در این صفات است. در نسل F2، کاهش معنی‌داری در صفات طول پدانکل، طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبله در بوته، وزن هزار دانه و عملکرد دانه در شرایط نرمال نسبت به نسل F1 مشاهده شد (جدول ۲). این کاهش بیانگر اثرات منفی ناشی از پسروی حاصل از خویش‌آمیزی در این صفات است (Shirkavand *et al.*, 2012). خویش‌آمیزی ممکن است باعث افزایش هموزیگوسیتی شود و در نتیجه، اثرات مضر ژن‌های مغلوب که در حضور آل‌های غالب والد پوشیده شده بودند، آشکار گردد (Amiri *et al.*, 2021a).

تحلیل‌های ژنتیکی

تجزیه ژنتیکی و آزمون کفایت مدل افزایشی-غالبیت برای تمامی صفات انجام شد. پارامترهای ژنتیکی صفات گیاهی در نسل‌های مختلف تلاقی احسان $\times$ کویر، تحت شرایط نرمال و تنش شوری، با استفاده از روش تجزیه میانگین نسل‌ها محاسبه شدند (جدول ۳). بر اساس نتایج، اثر میانگین (m) برای تمامی صفات مورد بررسی در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود که این امر حاکی از وجود ژن‌های مشترک بین دو والد و وراثت کمی این صفات است (Taheri *et al.*, 2022). آزمون کای‌اسکور برای صفات طول پدانکل، طول سنبله و ارتفاع بوته معنی‌دار نبود، اما در سایر صفات این آزمون معنی‌دار بود (جدول ۳). این نتایج نشان‌دهنده ناکافی بودن مدل ساده افزایشی-غالبیت و احتمال دخالت اثرات اپیستازی، پیوستگی ژنی و اثرات مادری در صفات مذکور هستند (Molaei *et al.*, 2016). در ادامه، پارامترهای ژنتیکی به‌دست‌آمده از تجزیه میانگین و واریانس نسل‌ها ارائه شده و صفات به‌صورت جداگانه مورد بحث قرار می‌گیرند.

وزن هزار دانه

به‌دلیل معنی‌دار بودن اثر تنش و اثر متقابل تنش در نسل، آنالیزهای ژنتیکی صفات وزن هزار دانه و عملکرد دانه در بوته به طور جداگانه در دو شرایط نرمال و تنش شوری انجام شد. در شرایط نرمال، بهترین مدل برازش شامل پنج پارامتر بود که شامل میانگین، اثر افزایشی، اثر غالبیت، اثر اپیستازی افزایشی $\times$ افزایشی، اثر اپیستازی افزایشی $\times$ غالبیت و اثر اپیستازی متقابل غالبیت $\times$ غالبیت بود. در حالی که در شرایط تنش شوری، یک مدل پنج پارامتری بهترین برازش را داشت به این صورت که تنها اثر اپیستازی افزایشی $\times$ غالبیت در مدل قرار

جدول ۱- تجزیه واریانس صفات مورد مطالعه در نسل های مختلف تلاقی احسان × کویر تحت شرایط نرمال و تنش شوری
Table 1. Analysis of the weighted variance of the studied traits in different generations of Ehsan × Kavir under normal and salinity stress conditions

میانگین مربعات (MS)								منابع تغییر	S.O.V
تعداد سنبله در بوته NSP	تعداد سنبلیچه در سنبله NSS	تعداد دانه در سنبله NGS	ارتفاع بوته PLH	طول سنبله SPL	طول پدانکل PDL	عملکرد دانه در بوته GYP	وزن هزار دانه TKW		
0.88 ^{ns}	1.73 ^{ns}	121.22 ^{ns}	92.98 ^{ns}	0.69 ^{ns}	8.39 ^{ns}	28.46 ^{ns}	48.20*	2	بلوک Block
29.52 ^{ns}	0.55 ^{ns}	30.45 ^{ns}	304.09 ^{ns}	1.78 ^{ns}	29.64 ^{ns}	163.27*	32.05*	1	تنش Stress (S)
4.81	2.01	97.75	20.70	2.07	9.30	8.26	1.73	2	خطا ۱ Error 1
7.27*	2.34*	117.38*	189.70**	3.02**	7.25*	22.33**	64.60**	5	نسل Generation (G)
3.51 ^{ns}	0.67 ^{ns}	48.67 ^{ns}	38.08 ^{ns}	0.39 ^{ns}	3.74 ^{ns}	17.80**	44.17**	5	تنش×نسل G×S
2.86	0.80	43.10	19.86	0.38	2.58	3.08	0.77	20	خطا ۲ Error 2
22.67	4.23	11.54	4.68	4.37	4.56	13.79	1.94		ضریب تغییرات CV

*, ** و ns به ترتیب بیانگر معنی داری در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد و عدم معنی داری هستند.
*, ** and ns: Significance at 5% and 1% probability levels and nonsignificance, respectively. TKW (Thousand-kernel weight), GYP (Grain yield per plant), PDL (Peduncle length), SPL (Spike length), PLH (Plant height), NGS (Number of grains per spike), NSS (Number of spikelets per spike), NSP (Number of spikes per plant).

جدول ۲- مقایسه میانگین نسل های مختلف گندم نان حاصل از تلاقی احسان × کویر در صفات مورد مطالعه تحت شرایط نرمال و تنش شوری
Table 2. Mean comparisons of the studied traits in different bread wheat generations obtained from Ehsan × Kavir under normal and salinity stress conditions

BC1.2	BC1.1	F2	F1	P2	P1	صفت
45.43d	50.40b	49.76b	51.58a	41.93e	47.12c	TKW (g) (Normal) وزن هزار دانه (گرم) (نرمال)
43.56d	45.78b	48.73a	44.01c	36.96f	40.35e	TKW (g) (Stress) وزن هزار دانه (گرم) (تنش)
14.50c	15.87ab	14.67bc	16.10a	11.90d	15.67abc	GYP (g) (Normal) عملکرد دانه در بوته (گرم) (نرمال)
11.56a	10.39b	10.79ab	11.76a	9.44b	9.99b	GYP (g) (Stress) عملکرد دانه در بوته (گرم) (تنش)
32.33b	36.94a	33.90b	38.11a	33.00b	37.02a	PDL (cm) طول پدانکل (سانتی متر)
14.10b	14.65ab	13.94b	14.86a	13.00c	14.10b	SPL (cm) طول سنبله (سانتی متر)
93.93b	98.37ab	97.55ab	99.26a	86.74c	95.23ab	PLH (cm) ارتفاع بوته (سانتی متر)
55.24bc	59.10ab	56.02bc	62.47a	52.33c	56.20b	NGS تعداد دانه در سنبله
21.16a	21.72a	21.03ab	21.78a	20.07b	21.11a	NSS تعداد سنبلیچه در سنبله
6.88c	6.75c	7.42bc	8.53a	8.18ab	7.00c	NSP تعداد سنبله در بوته

در هر ردیف میانگین هایی که حرف مشترک ندارند با هم تفاوت معنی دار دارند (LSD 0.05).
Means in each row followed by different letters are significantly different (LSD 0.05). TKW (Thousand-kernel weight), GYP (Grain yield per plant), PDL (Peduncle length), SPL (Spike length), PLH (Plant height), NGS (Number of grains per spike), NSS (Number of spikelets per spike), NSP (Number of spikes per plant).

عملکرد دانه

در شرایط نرمال، مدل شش-پارامتری شامل میانگین، اثر افزایشی، اثر غالبیت، اثر اپیستازی افزایشی $\times$ افزایشی، اثر اپیستازی افزایشی $\times$ غالبیت و اثر اپیستازی غالبیت $\times$ غالبیت بهترین برازش را برای تبیین وراثت عملکرد دانه در بوته داشت. به دلیل مخالفت علامت اثر غالبیت و اثر متقابل غالبیت $\times$ غالبیت، اپیستازی در صفت عملکرد دانه در شرایط نرمال از نوع مضاعف بود (جدول ۳). در شرایط تنش شوری، مدل چهار پارامتری شامل میانگین، اثر افزایشی، اثر غالبیت و اثر اپیستازی افزایشی $\times$ غالبیت بهترین برازش را داشت. در هر دو شرایط محیطی، اثر غالبیت مثبت و بزرگ‌تر از اثر افزایشی بود (جدول ۳). نقش اصلی اثر غالبیت در وراثت عملکرد دانه گندم قبلاً نیز توسط پژوهشگران مختلف گزارش شده است (Abdi et al., 2016; Akbari et al., 2020; Taheri et al., 2022; Amiri et al., 2024). در بررسی وراثت عملکرد و اجزای عملکرد گندم نان، مشخص شده است که گزینش برای عملکرد دانه به دلیل تأثیرات غالبیت و اپیستازی، به‌ویژه در نسل‌های پیشرفته، بسیار مؤثر خواهد بود (Erkul et al., 2010). وراثت‌پذیری عمومی در شرایط نرمال مقداری از شرایط تنش بیشتر بود (به ترتیب ۴۶ و ۳۹ درصد) که وراثت‌پذیری متوسطی است. همچنین در هر دو شرایط نرمال و تنش شوری، وراثت‌پذیری خصوصی بسیار ضعیف بود و به ترتیب ۸ درصد و ۶ درصد گزارش شد. پایین بودن وراثت‌پذیری خصوصی نشان می‌دهد که گزینش بر اساس این صفت در این جمعیت‌ها نمی‌تواند بازده ژنتیکی مطلوبی ایجاد کند، زیرا فنوتیپ منعکس‌کننده ژنوتیپ نیست. بنابر این، بهتر است گزینش برای این صفت در نسل‌های پیشرفته اصلاحی انجام شود. مقادیر هتروزیس نسبت به میانگین والدین و نسبت به والد برتر در شرایط نرمال مثبت بود، اما تنها هتروزیس نسبت به میانگین والدین (۱۶/۸۱ درصد) به‌طور معنی‌دار مشاهده شد، در حالی که هر دو نوع هتروزیس در شرایط تنش شوری مثبت و معنی‌دار بودند (به ترتیب ۲۱/۰۵ درصد و ۱۷/۷۲ درصد، جدول ۴). برآورد اجزای واریانس حاکی از نقش بیشتر واریانس غالبیت نسبت به واریانس افزایشی در صفت عملکرد دانه در هر دو شرایط نرمال و تنش بود. درجه غالبیت در شرایط نرمال (۲/۷۲) و تنش شوری (۳/۲۴) بزرگ‌تر از یک بود (جدول ۵) که نشان‌دهنده این است که صفت عملکرد دانه تحت کنترل عمل فوق‌غالبیت ژن‌ها است. عمل فوق‌غالبیت ژن‌ها در صفت عملکرد دانه گندم در یافته‌های سایر پژوهشگران نیز گزارش شده است (Shayan et al., 2019; Bagherikia et al., 2022).

ارتفاع بوته

در سایر صفات زراعی، با توجه به عدم معنی‌دار بودن اثر تنش و اثر متقابل تنش در نسل (جدول ۱)، داده‌ها از دو شرایط محیطی جمع‌شدند. بنابر این، نتایج به‌دست‌آمده قابل تعمیم به هر دو شرایط هستند. نتایج تجزیه پارامترهای ژنتیکی نشان دادند که مدل افزایشی-غالبیت برای صفت ارتفاع بوته کفایت داشت (جدول ۳). این کفایت مدل افزایشی-غالبیت (مدل سه پارامتری) در مطالعه امیری و همکاران (Amiri et al., 2021) نیز با تلاقی ارقام مروت‌دشت $\times$ رسول گزارش شده است. اثر

غالبیت مثبت و کمتر از اثر افزایشی بود که مقدار آن مثبت بود (جدول ۳). علامت مثبت اثر غالبیت نشان‌دهنده تأثیر افزایشی ژن‌های غالب بر این صفت است. بنابر این، اثرات افزایشی و غالبیت به‌طور هم‌جهت بر افزایش ارتفاع بوته عمل کرده‌اند، اما اثر افزایشی تأثیر بیشتری داشته است. نقش مهم اثرات افزایشی نسبت به اثر غالبیت در وراثت ارتفاع بوته گندم تحت شرایط تنش‌های غیر زنده در مطالعات ژنتیکی مرتبط با گندم نیز گزارش شده است (Ijaz et al., 2013; Bagherikia et al., 2023).

میانگین وراثت‌پذیری عمومی ارتفاع بوته ۶۵ درصد و وراثت‌پذیری خصوصی ۵۷ درصد بود (جدول ۴). تفاوت اندک بین وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی برای صفات ارتفاع بوته نشان می‌دهد که واریانس افزایشی بخش بزرگی از واریانس ژنتیکی را تشکیل می‌دهد (Amiri et al., 2021b). بر این اساس، می‌توان گفت که گزینش بر اساس ارتفاع بوته در این جمعیت می‌تواند بازده ژنتیکی مطلوبی را به‌همراه داشته باشد، زیرا فنوتیپ به‌طور قابل توجهی نمایانگر ژنوتیپ است. نتایج برآورد اجزای واریانس نشان دادند که در صفت ارتفاع بوته، واریانس ژنتیکی افزایشی بیشتر از واریانس غالبیت بود و درجه غالبیت کمتر از یک (۰/۵۱) بود. همچنین، علامت مثبت F نشان می‌دهد که ژن‌های مسئول ارتفاع بوته ممکن است در جهت افزایش این صفت نقش داشته باشند (جدول ۵). هتروزیس نسبت به میانگین والدین در سطح احتمال پنج درصد معنی‌دار بود، در حالی که هتروزیس نسبت به والد برتر اگرچه مثبت اما از نظر آماری معنی‌دار نبود (جدول ۴).

طول پدانکل

نتایج حاصل از آزمون کای اسکور نشان می‌دهند که مدل افزایشی-غالبیت برای بررسی نحوه وراثت این صفت در هر دو شرایط نرمال و تنش شوری مناسب است (جدول ۳). برآورد پارامترهای ژنتیکی از طریق تجزیه میانگین نسل‌ها نشان داد که اثر افزایشی و غالبیت هر دو معنی‌دار بودند، اما اثر افزایشی بزرگ‌تر از اثر غالبیت بود (جدول ۳). نقش برجسته‌تر اثرات افزایشی نسبت به اثرات غالبیت در کنترل صفت طول پدانکل قبلاً نیز در مطالعات مختلف گزارش شده است (Abdi et al., 2016; Taheri et al., 2022). هرچند در برخی پژوهش‌ها نیز نقش برجسته‌تر اثرات غالبیت برای این صفت مشاهده شده است (Molaei et al., 2016; Kamalizadeh et al., 2013).

طول پدانکل با وراثت‌پذیری عمومی ۷۰ درصد، بالاترین مقدار را در بین صفات مورد مطالعه داشت. همچنین با وراثت‌پذیری خصوصی ۵۴ درصد، بالاترین مقادیر وراثت‌پذیری پس از صفت ارتفاع بوته داشت (جدول ۴). اختلاف نسبتاً کم بین وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی در این تلاقی نشان‌دهنده وجود واریانس افزایشی برای این صفت است. میزان هر دو نوع هتروزیس برای صفت طول پدانکل مثبت بود اما تنها هتروزیس نسبت به میانگین والدین در سطح احتمال پنج درصد معنی‌دار بود (جدول ۴). نتایج برآورد اجزای واریانس نشان دادند که مقدار واریانس ژنتیکی افزایشی بیشتر از واریانس غالبیت بود. علامت مثبت F برای صفت طول پدانکل نشان‌دهنده برتری ژن‌های

اثر ایستازی نیز در وراثت تعداد دانه در سنبله نقش مؤثری داشته است (Ali *et al.*, 2014; Amiri *et al.*, 2021b).

وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی صفت تعداد دانه در سنبله به‌ترتیب ۳۷ درصد و ۶ درصد بود (جدول ۴). این تفاوت زیاد میان وراثت‌پذیری عمومی و خصوصی به‌دلیل تأثیر بیشتر اثرات غیر افزایشی در کنترل این صفت است. علاوه بر این، هتروزیس نسبت به میانگین والدین و هتروزیس نسبت به والد برتر در سطح احتمال یک درصد معنی‌دار بود (جدول ۴). تجزیه اجزای واریانس نشان داد که واریانس غالبیت تأثیر بیشتری نسبت به واریانس افزایشی داشت. درجه غالبیت بالا در صفت تعداد دانه در سنبله (۳/۰۶) نشان‌دهنده این است که در این صفت نوع عمل ژن‌ها به‌صورت فوق غالبیت است. همچنین مقدار F منفی بود که نشان‌دهنده برتری ژن‌های مسؤل در جهت کاهش این صفات است، زیرا ژن‌های غالب مربوط به والدی است که میانگین کمتری برای این صفت دارد (جدول ۵). مطالعات ژنتیکی متعدد روی وراثت‌پذیری و عملکرد اجزای آن در گندم نان نشان می‌دهند که گزینش برای تعداد دانه در سنبله به دلیل وجود اثرات غالبیت و ایستازی، در نسل‌های پیشرفته بسیار مؤثر خواهد بود (Erkul *et al.*, 2010; Ali *et al.*, 2014).

تعداد سنبلچه در سنبله اصلی

در این صفت، مدل چهار-پارامتری شامل میانگین، اثر افزایشی، اثر غالبیت و اثر ایستازی افزایشی $\times$ افزایشی، بهترین برازش را ارائه داد. نتایج نشان دادند که اثر غالبیت به‌طور قابل توجهی بزرگ‌تر از اثر افزایشی بود (جدول ۳)، که حاکی از تجمع ژن‌های غالب در هیبریدهای حاصل از این دو والد است. بررسی‌ها نشان می‌دهند که اثرات غیر افزایشی و ایستازی به‌طور قابل توجهی در وراثت تعداد سنبلچه در سنبله گندم نقش دارند (Ojaghi & Akhundova, 2010; Amiri *et al.*, 2022a; Taheri *et al.*, 2022). با توجه به این که اثرات غالبیت و ایستازی در این صفت بسیار تأثیرگذارند، گزینش در نسل‌های پیشرفته جمعیت‌های اصلاحی، به‌مراتب از گزینش در نسل‌های اولیه مؤثرتر خواهد بود.

وراثت‌پذیری عمومی این صفت تنها ۳۳ درصد تخمین زده شد که نشان می‌دهد بخش زیادی از واریانس ژنتیکی تحت تأثیر عوامل غیر افزایشی قرار دارد. همچنین، وراثت‌پذیری خصوصی در این صفت بسیار پایین (۱۶ درصد) برآورد شد، که نشان‌دهنده سهم ناچیز واریانس افزایشی از کل واریانس ژنتیکی است. میزان هتروزیس نیز تنها نسبت به میانگین والدین، در سطح ۱ درصد معنی‌دار بود (جدول ۴). برآورد اجزای واریانس نشان داد که واریانس غالبیت بیش از واریانس افزایشی بود (جدول ۵)، که با یافته‌های گزارش شده توسط طاهری و همکاران (Taheri *et al.*, 2022) همخوانی دارد.

تعداد سنبله در بوته

در این صفت، مدل پنج-پارامتری شامل اثر میانگین، اثر افزایشی، اثر غالبیت، اثر ایستازی افزایشی $\times$ افزایشی و اثر ایستازی غالبیت $\times$ غالبیت بهترین برازش را ارائه کرد. اثر متقابل ایستازی در صفت تعداد سنبله در بوته از نوع مضاعف بود زیرا علامت اثر غالبیت و اثر متقابل غالبیت $\times$ غالبیت مخالف هم بودند (جدول ۳). وراثت‌پذیری خصوصی ضعیفی (۰/۲۶) در

مسؤل در جهت افزایش این صفات است. مقدار درجه غالبیت در صفت طول پدانکل کمتر از یک بود (جدول ۵) که نشان‌دهنده اهمیت بیشتر واریانس افزایشی در این صفت است. مقدار بیشتر واریانس افزایشی نسبت به واریانس غالبیت برای صفت طول پدانکل در مطالعات دیگر مرتبط با تجزیه ژنتیکی گندم گزارش شده است (Taheri *et al.*, 2022; Bagherikia *et al.*, 2023).

طول سنبله

مدل ساده افزایشی-غالبیت برای بررسی صفت طول سنبله در این مطالعه کفایت داشت (جدول ۳). کفایت این مدل (مدل سه پارامتری) نیز در مطالعه طاهری و همکاران (Taheri *et al.*, 2022) با تلاقی ارقام شتردندان و دنا گزارش شده است. اثر غالبیت مثبت و بیشتر از اثر افزایشی بود که مقدار آن مثبت بود (جدول ۳). علامت مثبت اثر غالبیت نشان‌دهنده تأثیر افزایشی و غالب بر این صفت است. بنابر این، اثرات افزایشی و غالبیت در جهت افزایش طول سنبله عمل کردند، و تأثیر اثر غالبیت بیشتر از اثر افزایشی بود. نقش برجسته‌تر اثرات غالبیت نسبت به اثر افزایشی در وراثت صفت طول سنبله گندم تحت شرایط تنش‌های غیر زنده نیز در مطالعات ژنتیکی مختلف گزارش شده است (Amiri *et al.*, 2024; Taheri *et al.*, 2022).

میانگین وراثت‌پذیری عمومی برای صفت طول سنبله ۵۲ درصد بود، در حالی که وراثت‌پذیری خصوصی تنها ۲۴ درصد گزارش شد (جدول ۴). این مقدار پایین از وراثت‌پذیری خصوصی نشان می‌دهد که واریانس افزایشی سهم کوچکی از واریانس ژنتیکی را تشکیل می‌دهد (Amiri *et al.*, 2021b). بر اساس این نتایج، می‌توان گفت که گزینش برای طول سنبله در این جمعیت می‌تواند بازده ژنتیکی پایینی داشته باشد، زیرا فنوتیپ به‌طور ضعیفی نماینده ژنوتیپ است. برآورد اجزای واریانس نشان داد که در صفت طول سنبله، واریانس ژنتیکی غالبیت بیشتر از واریانس افزایشی بود و باعث شد تا درجه غالبیت بیشتر از یک باشد (۱/۵۸). علاوه بر این، علامت F منفی بود که نشان می‌دهد ژن‌های مسؤل طول سنبله ممکن است در جهت کاهش این صفت نقش داشته باشند (جدول ۵). هتروزیس نسبت به میانگین والدین در سطح احتمال پنج درصد معنی‌دار بود، در حالی که هتروزیس نسبت به والد برتر اگرچه مثبت بود اما از نظر آماری معنی‌دار نبود (جدول ۴).

تعداد دانه در سنبله

در هر دو شرایط محیطی، مدل پنج-پارامتری شامل میانگین، اثر افزایشی، اثر غالبیت، اثر ایستازی افزایشی $\times$ افزایشی و اثر ایستازی افزایشی $\times$ غالبیت، بهترین برازش را برای صفت تعداد دانه در سنبله داشت (جدول ۳). به‌طور کلی، با توجه به بزرگ‌تر بودن اثر غالبیت و اثر ایستازی افزایشی $\times$ افزایشی نسبت به اثر افزایشی ساده، پیشنهاد می‌شود که گزینش برای این صفت در نسل‌های پیشرفته جمعیت‌های اصلاحی صورت گیرد. در مطالعات مشابه مربوط به تجزیه میانگین نسل‌های گندم، مشخص شده است که در شرایط تنش‌های شوری و خشکی، علاوه بر اثرات افزایشی و غالبیت،

نسل‌های ابتدایی مؤثر نخواهد بود و بهتر است که از گزینش در نسل‌های انتهایی و پیشرفته استفاده شود. نقش بیشتر اثرات غالبیت نسبت به اثر افزایشی در توارث صفت تعداد سنبله در بوته تحت شرایط نرمال (Magda & El-Rahman, 2013) و تنش کم‌آبی (Dorrani-Nejad *et al.*, 2017) گزارش شده است.

صفت تعداد سنبله در بوته مشاهده شد که نشان‌دهنده نقش اثرات غیر افزایشی در کنترل این صفت است. میزان هتروزیس نسبت به میانگین والدین مثبت و از نظر آماری معنی‌دار بود (جدول ۴). نتایج برآورد اجزای واریانس نشان دادند که مقدار واریانس غالبیت بیشتر از واریانس افزایشی بود (جدول ۵). بنابر این، به‌نظر می‌رسد که در اصلاح این صفت، گزینش در

جدول ۳- پارامترهای ژنتیکی ($\pm$ خطای استاندارد) برای صفات مورد مطالعه در نسل‌های مختلف تلاقی احسان $\times$ کویر تحت شرایط نرمال و تنش شوری با استفاده از روش تجزیه میانگین نسل‌ها

Table 3. Genetic parameters ($\pm$ SE) for the studied traits in different generations of Ehsan $\times$ Kavir under normal and salinity stress conditions using generation mean analysis

χ^2	l	j	i	h	d	m	
16.64**	7.92** ± 1.88	4.76** ± 2.11	-7.37** ± 2.47	-8.24** ± 1.97	2.59** ± 0.88	51.90** ± 0.98	وزن هزار دانه (نرمال) (TKW (Normal))
17.57**	2.93** ± 1.33	-	-16.26** ± 2.64	-13.83** ± 2.88	1.96** ± 0.56	54.91** ± 1.19	وزن هزار دانه (تنش) (TKW (Stress))
13.96**	-3.03** ± 1.27	-1.03** ± 0.34	2.07** ± 0.89	7.42** ± 2.04	1.88** ± 0.64	11.72** ± 1.35	عملکرد دانه در بوته (نرمال) (GYP (Normal))
16.54**	-	-2.89** ± 1.14	-	4.48** ± 1.12	0.28 ± 0.22	8.98** ± 1.13	عملکرد دانه در بوته (تنش) (GYP (Stress))
1.97 ^{ns}	-	-	-	1.34** ± 0.33	2.01** ± 0.69	32.05** ± 1.25	طول پدانکل (PDL)
2.03 ^{ns}	-	-	-	5.49** ± 0.36	0.55** ± 0.11	11.80** ± 0.36	طول سنبله (SPL)
2.64 ^{ns}	-	-	-	1.19** ± 0.33	4.25** ± 1.32	96.58** ± 3.71	ارتفاع بوته (PLH)
8.98*	-	0.21* ± 0.10	7.22** ± 2.01	12.59** ± 3.35	1.93* ± 0.65	49.67** ± 1.03	تعداد دانه در سنبله (NGS)
8.73*	-	-	1.62** ± 0.59	5.45** ± 0.64	0.52** ± 0.19	18.97** ± 0.34	تعداد سنبله در سنبله (NSS)
15.45**	7.40** ± 0.139	-	-2.41** ± 0.72	-18.86** ± 0.63	-0.59** ± 0.17	10.00** ± 0.43	تعداد سنبله در بوته (NSP)

جدول ۴- برآورد وراثت‌پذیری عمومی، وراثت‌پذیری خصوصی و هتروزیس برای صفات مورد ارزیابی تحت شرایط نرمال و تنش شوری
Table 4. Estimations of broad-sense heritability, narrow-sense heritability, and heterosis of the traits studied under normal and salinity stress conditions

H _{pi}	H _{MP}	h ² _{NS}	h ² _{BS}						Trait
			Mean میانگین	6	5	4	3	2	
9.47*	15.84**	0.21	0.44	0.38	0.44	0.49	0.17	0.60	وزن هزار دانه (نرمال) TKW (Normal)
9.07*	13.85**	0.13	0.42	0.41	0.42	0.42	0.41	0.42	وزن هزار دانه (تنش) TKW (Stress)
2.77	16.81**	0.08	0.46	0.39	0.47	0.50	0.17	0.62	عملکرد دانه (نرمال) GYP (Normal)
17.72**	21.05**	0.06	0.39	0.35	0.39	0.41	0.24	0.48	عملکرد دانه (تنش) GYP (Stress)
2.94	8.85*	0.54	0.70	0.65	0.71	0.74	0.50	0.81	طول پدانکل PDL
5.39	9.67*	0.24	0.52	0.53	0.50	0.53	0.60	0.48	طول سنبله SPL
4.23	9.09*	0.57	0.65	0.64	0.65	0.65	0.61	0.67	ارتفاع بوته PLH
11.15**	15.11**	0.06	0.37	0.36	0.37	0.37	0.34	0.38	تعداد دانه در سنبله NGS
3.19	5.80*	0.16	0.33	0.30	0.31	0.36	0.28	0.39	تعداد سنبله در سنبله NSS
4.28	12.40**	0.26	0.49	0.48	0.49	0.50	0.45	0.52	تعداد سنبله در بوته NSP

$\neq$ اعداد ۱ تا ۶ نشان‌دهنده شش روش مختلف محاسبه وراثت‌پذیری عمومی هستند.

*, ** به ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد هستند.

h²_{BS}: وراثت‌پذیری عمومی؛ h²_{NS}: وراثت‌پذیری خصوصی؛ H_{MP}: درصد هتروزیس نسبت به میانگین والدین؛ H_{pi}: درصد هتروزیس نسبت به والد برتر.

$\neq$ The numbers 1 to 6 represent six different methods for calculating broad-sense heritability (h²_{BS})

* and **: Significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

h²_{BS} = Broad-sense heritability; h²_{NS} = Narrow-sense heritability; H_{MP} = Mid parent heterosis; H_{pi} = Heterobeliosis (better parents heterosis)
TKW (Thousand-kernel weight), GYP (Grain yield per plant), PDL (Peduncle length), SPL (Spike length), PLH (Plant height), NGS (Number of grains per spike), NSS (Number of spikelets per spike), NSP (Number of spikes per plant).

جدول ۵- برآورد اجزای واریانس برای صفات مورد بررسی تحت شرایط نرمال و تنش شوری
Table 5. The estimation of genetic variance components for the studied traits under normal and salinity stress conditions

انحرافات غالبیت Dominance deviations	درجه غالبیت Degree of dominance	همبستگی H و D تمام مکان های ژنی F	واریانس غالبیت H	واریانس افزایشی D	واریانس محیطی EW	
-0.25	1.28	-0.32	5.66	3.44	5.22	وزن هزار دانه (نرمال) TKW (Normal)
-0.47	2.12	-0.99	9.05	2.02	4.62	وزن هزار دانه (تنش) TKW (Stress)
-0.18	2.72	-0.50	7.40	1.00	3.65	عملکرد دانه (نرمال) GYP (Normal)
-0.52	3.24	-1.70	5.88	0.56	3.24	عملکرد دانه (تنش) GYP (Stress)
0.99	0.66	0.65	4.90	11.30	3.63	طول پدانکل PDL
-1.23	1.58	-1.94	4.70	1.88	1.89	طول سنبله SPL
1.68	0.51	0.86	18.96	72.52	23.00	ارتفاع بوته PLH
-0.82	3.06	-2.50	28.16	3.00	14.96	تعداد دانه در سنبله NGS
-1.43	1.35	-1.94	3.44	1.88	4.20	تعداد سنبله در سنبله NSS
-0.53	1.32	-0.70	2.10	1.20	1.23	تعداد سنبله در بوته NSP

*، ** به ترتیب معنی دار در سطوح احتمال ۵ و ۱ درصد هستند.

* and **: Significant at 5% and 1% probability levels, respectively.

TKW (Thousand-kernel weight), GYP (Grain yield per plant), PDL (Peduncle length), SPL (Spike length), PLH (Plant height), NGS (Number of grains per spike), NSS (Number of spikelets per spike), NSP (Number of spikes per plant).

نتیجه گیری کلی

نتایج این پژوهش نشان دهنده وجود تنوع ژنتیکی کافی در نسل های حاصل از تلاقی ارقام گندم نان احسان و کویر هستند که امکان بهره برداری از آلل های مناسب برای بهبود صفات مورد نظر را فراهم می کنند. مدل های کنترل ژنتیکی برای صفات وزن هزار دانه و عملکرد دانه در شرایط نرمال و تنش شوری تفاوت داشتند. تجزیه میانگین و واریانس نسل ها نشان دادند که در کنترل اکثر صفات مورد بررسی، از جمله طول سنبله، تعداد دانه در سنبله، تعداد سنبله در سنبله، تعداد سنبله در بوته، وزن هزار دانه و عملکرد دانه، اثرات ژنی غیر افزایشی نقش بیشتری نسبت بر اثرات افزایشی داشتند. همچنین، نقش اثرات اپیستازی در بسیاری از صفات مشاهده شدند و وراثت پذیری خصوصی پایینی برای این صفات گزارش گردید. بر این اساس، پیشنهاد می شود که گزینش در نسل های پیشرفته و پس از دستیابی به خلوص نسبی انجام شود و از روش شجره ای (بالک شجره ای) برای بهبود این صفات بهره گرفته شود. برای صفات وزن هزار دانه و عملکرد دانه در بوته،

وراثت پذیری تحت شرایط تنش شوری کمتر از شرایط نرمال بود. در صفات ارتفاع بوته و طول پدانکل، اثرات افزایشی نسبت به اثرات غیر افزایشی برجسته تر بودند و اثرات اپیستازی در این صفات نقش نداشتند. همچنین، وراثت پذیری خصوصی نسبتاً بالایی برای این دو صفت مشاهده شد که امکان بهبود ژنتیکی آن ها را در نسل های ابتدایی فراهم می کند. شایان به ذکر است که نسل های حاصل از تلاقی ارقام احسان و کویر در برنامه های اصلاحی گندم نان برای شناسایی و تثبیت آلل های مطلوب، در شرایط اقلیم گرم و مرطوب شمال کشور تحت گزینش و ارزیابی قرار دارند.

تشکر و قدردانی

این پژوهش توسط مؤسسه تحقیقات اصلاح و تهیه نهال و بذر حمایت مالی شده است. از همکاران پروژه غلات در مرکز تحقیقات و آموزش کشاورزی و منابع طبیعی استان گلستان به جهت همکاری صمیمانه آن ها در انجام این پژوهش تقدیر و تشکر می شود.

References

- Abdi, H., Fotokian, M.H., & Shabanpour, S. (2016). Studying the inheritance mode of grain yield and yield components in bread wheat genotypes using generations mean analysis. *Cereal Research*, 6(3), 283-292. <https://doi.org/10.1001.1.22520163.1395.6.3.2.4> [In Persian]
- Akbari, L., Bahraminejad, S., & Cheghamirza, K. (2020). Genetic analysis of physiological traits in bread wheat under normal and terminal water-deficit stress conditions. *Environmental Stresses in Crop Sciences*, 13(4), 1031-1044. <https://doi.org/10.22077/escs.2020.2372.1614> [In Persian]
- Ali, Z., Salam Khan, A., Karim, I., Uzair, M., Mahmood, T., Saeed, T., Sarwar, S., Ghori, N., Nisar, Z., & Sarwat, S.S. (2014). Generation mean effects heterosis and heritabilities for seedling adult and physiological salinity tolerance in spring wheat (*Triticum aestivum*). *International Journal of Agriculture and Biology*, 16, <https://doi.org/10.5829/idosi.ajeaes.2013.13.02.1101>

- Al-Naggar, A., Al-Azab, K., Younis, A., Hassan, I., Basyouny, M., & Ayaad, M. (2021). Genetic parameters controlling the inheritance of glaucousness and yield traits in bread wheat. *Brazilian Journal of Biology*, 82. e253864. <https://doi.org/10.1590/1519-6984.253864>
- Amiri, R., Bahraminejad, S., & Cheghamirza, K. (2021a). Estimation of genetic control model for agronomic traits in the progeny of Marvdasht and MV-17 wheat cross under normal and terminal drought stress conditions. *Plant Genetic Research*, 8(1), 61-80. <http://dx.doi.org/10.52547/pgr.8.1.5> [In Persian]
- Amiri, R., Bahraminejad, S., & Cheghamirza, K. (2021b). Estimation of Genetic Components and Inheritance of Bread Wheat Agronomic Traits Using Regression Method Through Generation Mean Analysis. *Journal of Crop Breeding*, 12(36), 101-116. <http://dx.doi.org/10.52547/jcb.12.36.101> [In Persian]
- Amiri, R., Bahraminejad, S., & Cheghamirza, K. (2024). Generation mean analysis for some agronomic traits at two bread wheat crosses under two different moisture conditions', *Environmental Stresses in Crop Sciences*, 16(4), 887-904. <https://doi.org/10.22077/escs.2023.5120.2110> [In Persian]
- Asadi, A.A., Valizadeh, M., Mohammadi, S.A., & Khodarahmi, M. (2019). Genetic analysis of response to water deficit stress in wheat yield traits with generation means and variance analysis. *Journal of Crop Breeding*, 11(32), 88-99. <http://dx.doi.org/10.29252/jcb.11.32.88> [In Persian]
- Badieh, M., Farshadfar, E., Haghparast, R., Rajabi, R., & Zarei, L. (2012). Evaluation of gene actions of some traits contributing in drought tolerance in bread wheat utilizing diallel analysis. *Annals of Biological Research*, 3, 3591-3596.
- Bagherikia, S., Soughi, H., & Khodarahmi, M. (2022). Genetic analysis of grain yield and yield components in bread wheat using hayman's diallel method. *Journal of Crop Breeding*, 14(41), 1-9. <http://dx.doi.org/10.52547/jcb.14.41.1> [In Persian]
- Bagherikia, S., Soughi, H., & Khodarahmi, M. (2023). Genetic analysis of yield and yield related traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) under complete irrigation and drought stress in reproductive phase conditions. *Environmental Stresses in Crop Sciences*, 16(4), 1139-1152. <https://doi.org/10.22077/escs.2023.5320.2139> [In Persian]
- Ceccarelli, S. (1996). Adaptation to low/high input cultivation. *Euphytica*, 92, 203-214. <https://doi.org/10.1007/BF00022846>
- Dhanda, S.S., & Sethi, G.S. (1996). Genetics and interrelationships of grain yield and its related traits in bread wheat under irrigated and rainfed conditions. *Wheat Information Service*, 83, 19-27.
- Dorrani-Nejad, M., Mohammadinejad, G., & Abdoshahi, R. (2017). Assessment of Genetic Parameters of Agronomic Traits in Bread Wheat using Generation Means Analysis under water-limited Conditions'. *Iranian Journal of Field Crops Research*, 15(2), 389-398. doi: 10.22067/gsc.v15i2.51405 [In Persian]
- Erenstein, O., Jaleta, M., Mottaleb, K.A., Sonder, K., Donovan, J., & Braun, H.J. (2022). Global trends in wheat production, consumption and trade, Wheat improvement: food security in a changing climate. Springer International Publishing Cham, 47-66. https://doi.org/10.1007/978-3-030-90673-3_4
- Erkul, A., Unay, A., & Konak, C. (2010). Inheritance of yield and yield components in a breadwheat (*Triticum aestivum* L.) cross. *Turkish Journal of Field Crops*, 15(2), 137-140
- Frozanfar, M., Bihamta, M.R., Peyghambari, A., & Zeinali, H. (2009). Inheritance of some traits associated with yield in bread wheat using generation mean analysis. *Seed and Plant Improvement Journal*, 25, 419-431. <https://doi.org/10.22092/spij.2017.110991> [In Persian]
- Golabadi, M., Arzani, A., & Maibody, S. (2005). Evaluation of variation among durum wheat F3 families for grain yield and its components under normal and water-stress field conditions. *Czech Journal of Genetics and Plant Breeding*, 41, 263-267. <https://doi.org/10.17221/6188-CJGPB>
- Golabadi, M., Arzani, A., & Mirmohammadi Maibody, S.A.M. (2008). Genetic analysis of some morphological traits in durum wheat by generation mean analysis under normal and drought stress conditions. *Seed and Plant Improvment Journal*, 24(1), 99-116. <https://doi.org/10.22092/spij.2017.110781> [In Persian]
- Hussain, S., Shaukat, M., Ashraf, M., Zhu, C., Jin, Q., & Zhang, J. (2019). Salinity stress in arid and semi-arid climates: Effects and management in field crops. *Climate Change and Agriculture*, 13, 201-226. <https://doi.org/10.5772/intechopen.87982>
- Igrejas, G., & Branlard, G. (2020). The importance of wheat, in: Igrejas, G., Ikeda, T.M., Guzmán, C. (Eds.), Wheat quality for improving processing and human health. Springer international publishing, Cham, 1-7. https://doi.org/10.1007/978-3-030-34163-3_1
- Ijaz, U., Smiullah, S., & Kashif, M. (2013). Genetic study of quantitative traits in spring wheat through generation means analysis. *American-Eurasian Journal of Agricultural and Environmental Sciences*, 13(2), 191-197. <https://doi.org/10.5829/idosi.ajeaes.2013.13.02.1101>
- Kamalizadeh, M., Hoseinzadeh, A., & Zeinali Khanghah, H. (2013). Evaluation of inheritance for some quantitative traits in bread wheat using generation mean analysis under water deficit condition. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 44(2), 317-326. <https://doi.org/10.22059/ijfcs.2013.35120> [In Persian]
- Kamara, M.M., Rehan, M., Mohamed, A.M., El Mantawy, R.F., Kheir, A.M., Abd El-Moneim, D., Safhi, F.A., ALshamrani, S.M., Hafez, E.M., Behiry, S.I., & Ali, M.M., (2022). Genetic potential and

- inheritance patterns of physiological, agronomic and quality traits in bread wheat under normal and water deficit conditions. *Plants*, 11(7), 952. <https://doi.org/10.3390/plants11070952>
- Kearsey, M., & Pooni, H. (1996). *Genetical Analysis Of Quantitative Traits*. *Garland Science*. <https://doi.org/10.1201/9781003062806>
- Khabiri, E., Asghari, A., Mohammadi, S., Rasolzadeh, A., & Nouraein, M. (2023). QTL Mapping for Some Morphological Traits under Salt Stress Condition in Recombinant Inbred Lines of Bread Wheat. *Journal of Crop Sciences*, 15(46), 104-114. doi:10.61186/jcb.15.46.104 [In Persian]
- Magda, E., & El-Rahman, A. (2013). Estimation of some genetic parameters through generation mean analysis in three bread wheat crosses. *Alexandria Journal of Agricultural Sciences*, 58, 183-195.
- Mather, K., & Jinks J.L. (1982). *Biometrical genetics - The study of continuous variation*, 3rd edition. Chapman and Hall, London, UK. 396 p. <https://doi.org/10.1007/978-1-4899-3406-2>
- Mather, K., & Jinks J.L. (1977). *Introduction to Biometrical Genetics*. Chapman and Hall, London, UK.
- Mohamed, N.E. 2014. Genetic control for some traits using generation mean analysis in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *International Journal of Plant and Soil Science*, 3, 1055-1068. <https://doi.org/10.9734/IJPSS/2014/10730>
- Molaei, B., Moghaddam, M., Alavikia, S. S., & Bandeh-Hagh, A. (2016). Generation Mean Analysis for Several Agronomic and Physiologic Traits in Bread Wheat under Normal and Water Deficit Stress Conditions. *Plant Genetic Researches*, 3(2), 1-10. <http://dx.doi.org/10.29252/pgr.3.2.1> [In Persian]
- Mourad, A.M., Alomari, D.Z., Alqudah, A.M., Sallam, A., & Salem, K.F. (2019). Recent advances in wheat (*Triticum* spp.) breeding. *Advances in Plant Breeding Strategies: Cereals*, 5, 559-593. http://dx.doi.org/10.1007/978-3-030-23108-8_15
- Ojaghi, J., & Akhundova, E. (2010). Genetic effects for grain yield and its related traits in doubled haploid lines of wheat. *International Journal of Agriculture and Biology*, 12, 86-90.
- Sabagh, A., Islam, M.S., Skalicky, M., Ali Raza, M., Singh, K., Anwar Hossain, M., Hossain, A., Mahboob, W., Iqbal, M.A., & Ratnasekera, D. (2021). Salinity stress in wheat (*Triticum aestivum* L.) in the changing climate: Adaptation and management strategies. *Frontiers in Agronomy*, 3, 661932. <https://doi.org/10.3389/fagro.2021.661932>
- Said, A.A. (2014). Generation mean analysis in wheat (*Triticum aestivum* L.) under drought stress conditions. *Annals of Agricultural Sciences*, 59, 177-184. <https://doi.org/10.1016/j.aos.2014.11.003>
- Sharma, S., Menon, U., & Sain, R. (2004). Combining ability for physiological traits in spring wheat over environments. *Acta Agronomica Hungarica*, 52, 63-68. <https://doi.org/10.1556/AAgr.52.2004.1.8>
- Shayan, S., Moghaddam Vahed, Norouzi, M., Mohammadi, S. A., & Toorchi, M. (2019). Genetic analysis of agronomic and physiological traits of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) using generation mean analysis under drought stress conditions and spring planting in the cold climate. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 21(3), 210-224. <http://dx.doi.org/10.29252/abj.21.3.210> [In Persian]
- Shirkavand, Z., Ebrahimi, M., Bihamta, M.R., Amiri, R., Najafian, G., & Ramshini, H.A. (2012). Genetic analysis of yield and agronomic traits in bread wheat (*Triticum aestivum*) under normal and drought stress conditions. *Iranian Journal of Field Crop Science*, 43(1), 61-80. [In Persian]
- SPII; Seed and Plnat Improvement Institiute. (2025). available at: <http://spii.ir/fa-IR/DouranPortal/5232/page/%DA%AF%D9%86%D8%AF%D9%85>. Accessed 1 June 2025.
- Sultan, M.S., Abd El-Latif, A.H., El-Moneam, M. A., & El-Hawary, M. N. (2011). Genetic parameters for some yield and yield components characters in four cross of bread wheat under two water regime treatments. *Journal of Plant Production*, 2(2), 351-366. <https://dx.doi.org/10.21608/jpp.2011.85531>
- Taheri, R., Khodarahmpour, Z., Khodarahmi, M., & Moradi, M. (2022). Genetic analysis of agronomic and morphological traits of durum wheat [*Triticum turgidum* L. spp. durum (Desf.)] using generations mean analysis under non-stress and terminal drought stress conditions. *Iranian Journal of Crop Sciences*, 24(2), 150-164. <http://dorl.net/dor/20.1001.1.15625540.1401.24.2.4.7> [In Persian]
- Talebi Qormik, R., Alipour, H., & Darvishzadeh R. (2024). Evaluation of Genetic Diversity of Iranian Spring Wheat Cultivars under Salinity Stress at the Seedling Stage using Multivariate Statistical Methods. *Journal of Crop Sciences*, 16(3), 64-78. doi:10.61186/jcb.16.3.64 [In Persian]